

TÍTULO: ANÁLISES *IN SILICO* DE UNIDADES TAXONÔMICAS OPERACIONAIS DE MICROBIOTA PROCARIÓTICA DE INSETOS XILÓFAGOS

AUTORES: SILVEIRA, N.M., MOREIRA-SILVA, E. & MEDINA-SILVA, R.

INSTITUIÇÃO: PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL (AV. IPIRANGÁ, 6681 PARTENON - PORTO ALEGRE / RS)

RESUMO:

A indústria de bioprocessos demanda por organismos com potencial biotecnológico de utilizar substratos mais baratos e sustentáveis, como resíduos de biomassa dos setores rural e industrial. Resíduos de origem vegetal são ricos em lignocelulose, polímero altamente energético, porém extremamente difícil de serem catalisado por microrganismos tradicionais. Diferentes estratégias já foram empregadas na busca por microrganismos com o maquinário metabólico necessário para degradar resíduos de biomassa vegetal. Contudo, ainda são conhecidos poucos microrganismos capazes de utilizar substratos majoritariamente compostos por lignocelulose. Nesse contexto, esse trabalho tem como objetivo analisar os microbiomas de insetos xilófagos (que se alimentam de madeira) previamente sequenciados (rRNA 16S) pelo nosso grupo de pesquisa, juntamente com dados de microbiomas de insetos xilófagos de projetos disponíveis em bancos de dados *on-line*. Para tal, foi utilizado o *software* QIIME2, próprio para análises ecológicas e filogenéticas de microbiomas. Após curadoria e reestruturação do conjunto de dados para as análises *in silico*, foi feita a importação e limpeza com a ferramenta DADA2, com tamanho mínimo de 200 pares de base, gerando aproximadamente 2,6 milhões de sequências de boa qualidade. Em seguida foi feita a montagem das OTUs através de um agrupamento do tipo *de novo*. Após, foi realizada uma análise de rarefação, análises de *alfa* e *beta* diversidades, assim como uma classificação taxonômica de acordo com o banco de dados SILVA *Database*. O gráfico de rarefação revelou que as amostras analisadas apresentavam uma boa qualidade de sequenciamento. A análise de frequências relativas dos diferentes *taxa* mostrou que a 2ª OTU mais frequente nas amostras pertence à família *Spirochaeraceae*, enquanto a OTU mais frequente permaneceu sem identificação taxonômica. A métrica de OTUs observadas mostrou o microbioma da barata *Salganea taiwanensis* apresentou maior riqueza dentre todas, enquanto a métrica de Chao1 indicou o cupim *Schedorhinotermes sarawakens* como o mais rico. Ambas as métricas apontavam as amostras de Tineidae com sendo as de menor riqueza. As métricas de Shannon e Simpson indicaram o microbioma de *S. tawanensis* como o mais diverso, e mostraram *Compsocerus* spp. e *Coptotermes formosanus* apresentavam os de menor diversidade, respectivamente. Análises de *beta* diversidade não apontaram padrões relevantes na distribuição de OTUs nas amostras.

Palavras-chave: Microbiologia; bioinformática; biotecnologia, microbioma

Agência de desenvolvimento: CNPq